

**Fig 1 : Alignment of the BASB113 polynucleotide sequences.**

Identity to SeqID No:1 is indicated by a dot. Gap is indicated by a dash.

\*                      20                      \*

Seqid1 : ATGAAAATTAAAGCATTGGGTGTTGTGCTG : 30

Seqid3 : ..... : 30

40                      \*                      60

Seqid1 : TTGGCATCAAGTATGGCTTTGGCAGGTTGT : 60

Seqid3 : ..... : 60

\*                      80                      \*

Seqid1 : GCAAATACAGGCACAACTGGCAATGGCACA : 90

Seqid3 : ..... : 90

100                      \*                      120

Seqid1 : GGATTGGTGGTGCTAATGTCAATAAGGCG : 120

Seqid3 : ..... : 120

\*                      140                      \*

Seqid1 : GTGATTGGGGCTGTGGCAGGTGCACTTGGC : 150

Seqid3 : ..... : 150

160                      \*                      180

Seqid1 : GGTACTGCCATTTCAAAAGCAACTGGTGGC : 180

Seqid3 : ..... : 180

\*                      200                      \*

10018561-040502

Seqid1 : GAAAAAACAGGTCGTGATGCCATTTTGGGG : 210  
Seqid3 : ..... : 210

220 \* 240  
Seqid1 : GCGGCAGTTGGTGCAGCAGCAGGGGCGTAT : 240  
Seqid3 : ..... : 240

\* 260 \*  
Seqid1 : ATGGAGCGTCAAGCAAAGCAGATTGAGCAA : 270  
Seqid3 : ..... : 270

280 \* 300  
Seqid1 : CAAATGCAAGGAACGGGCGTGACTGTAACC : 300  
Seqid3 : ..... : 300

\* 320 \*  
Seqid1 : CACGATACCGACACGGGTAATATTAATCTA : 330  
Seqid3 : ..... : 330

340 \* 360  
Seqid1 : ACTATGCCAGGTAATATTACTTTTGCTCAT : 360  
Seqid3 : ..... : 360

\* 380 \*  
Seqid1 : GATGACGATACTTTAAACAGTGCATTTTGTG : 390  
Seqid3 : ..... : 390

10018561-040503

400 \* 420  
Seqid1 : GGTCGTTTAAACCAGCTGGCTAATACGATG : 420  
Seqid3 : ..... : 420

\* 440 \*  
Seqid1 : AATCAGTATCATGAAACAACGATTGTCATT : 450  
Seqid3 : ..... : 450

460 \* 480  
Seqid1 : GTAGGACATACAGACTCAACGGGTCAAGCG : 480  
Seqid3 : ..... : 480

\* 500 \*  
Seqid1 : GCTTATAATCAAGAGCTGTCTGAGCGTCGA : 510  
Seqid3 : ..... : 510

520 \* 540  
Seqid1 : GCGGATTCAGTGCGTTATTACTTGATTAAT : 540  
Seqid3 : ..... : 540

\* 560 \*  
Seqid1 : CAAGGCGTTGATCCATATCGTATTCAGACA : 570  
Seqid3 : ..... : 570

580 \* 600  
Seqid1 : GTGGGGTATGGTATGCGACAACCGATTGCA : 600  
Seqid3 : ..... : 600

205040-1953T00F

\*                      620                      \*

Seqid1 : TCGAATGCAACCGAAGCAGGTCGTGCTCAA : 630

Seqid3 : ..... : 630

640                      \*                      660

Seqid1 : AATCGCCGTGTTGAGCTGATGATTTTAGCA : 660

Seqid3 : ..... : 660

\*

Seqid1 : CCGCAGGGTATGTAA : 675

Seqid3 : ..... --- : 672

205040-1953T00T

**Fig 2 : Alignment of the BASB113 polypeptide sequences.****Identity to SeqID No:2 is indicated by a dot. Gap is indicated by a dash.**

```

                *           20           *
Seqid2 : MKIKALGVVLLASSMALAGCANTGTTGNGT : 30
Seqid4 : ..... : 30

                40           *           60
Seqid2 : GFGGANVNKAVIGAVAGALGGTAISKATGG : 60
Seqid4 : ..... : 60

                *           80           *
Seqid2 : EKTGRDAILGAAVGAAAGAYMERQAKQIEQ : 90
Seqid4 : ..... : 90

                100           *           120
Seqid2 : QMQGTGVTVTHTDTGNTNLTMPGNITFAH : 120
Seqid4 : ..... : 120

                *           140           *
Seqid2 : DDDTLNSAFLGRLNQLANTMNQYHETTIVI : 150
Seqid4 : ..... : 150

                160           *           180
Seqid2 : VGHTDSTGQAAYNQELSERADSVRYYLIN : 180
Seqid4 : ..... : 180

```

10018561-040502  
 205040-19521001

\*

200

\*

Seqid2 : QGVDPYRIQTVGYGMRQPIASNATEAGRAQ : 210

Seqid4 : ..... : 210

220

Seqid2 : NRRVELMILAPQGM : 224

Seqid4 : ..... : 224

205010 T958F00T

**Fig 3-A : Coomassie stained SDS-polyacrylamide gel of purified BASB113**

**Fig 3-B: Western-blotting of purified BASB113 (anti-His antibody).**

